



B14

⑮ BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ Off nl gungsschrift
⑩ DE 199 41 478 A 1

⑤① Int. Cl. 7:
C 07 K 14/34
C 07 H 21/04
C 12 P 13/08
C 12 N 1/21

②① Aktenzeichen: 199 41 478.5
②② Anmeldetag: 1. 9. 1999
④③ Offenlegungstag: 8. 3. 2001

DE 199 41 478 A 1

⑦① Anmelder:

Degussa-Hüls AG, 60311 Frankfurt, DE;
Forschungszentrum Jülich GmbH, 52428 Jülich, DE

⑦② Erfinder:

Thierbach, Georg, Dr., 33613 Bielefeld, DE; Ziegler,
Petra, 52062 Aachen, DE; Eggeling, Lothar, Dr.,
52428 Jülich, DE; Sahm, Hermann, Prof., 52428
Jülich, DE

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

- ⑤④ Neue für das thrE-Gen codierende Nukleotidsequenzen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin mit coryneformen Bakterien
- ⑤⑦ Die Erfindung betrifft in coryneformen Mikroorganismen replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA mit der Herkunft Corynebacterium, die zumindest eine Nukleotidsequenz enthält, die für das thrE-Gen codiert, und ein Verfahren zur Herstellung von L-Threonin, das dadurch gekennzeichnet ist, daß man folgende Schritte durchführt:
- a) Fermentation von Mikroorganismen, in denen zumindest das thrE-Gen verstärkt (überexprimiert) wird, ggf. in Kombination mit weiteren Genen,
 - b) Anreicherung des L-Threonins im Medium oder in den Zellen der Mikroorganismen und
 - c) Isolieren des L-Threonins.

DE 199 41 478 A 1

Beschreibung

Gegenstand der Erfindung sind für das thrE-Gen kodierende Nukleotidsequenzen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen das thrE-Gen verstärkt wird.

Stand der Technik

L-Threonin findet in der Tierernährung, in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie Anwendung.

Es ist bekannt, daß L-Threonin durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien insbesondere Corynebacterium glutamicum hergestellt werden kann. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellungsverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie z. B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie z. B. die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch z. B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite wie z. B. das Threonin-Analogon α -Amino- β -Hydroxyvaleriansäure (AHV) oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Aminosäuren sind und L-Threonin produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung L-Threonin produzierender Stämme von Corynebacterium eingesetzt, indem man einzelne Threonin-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die L-Threonin-Produktion untersucht.

Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von L-Threonin bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

L-Threonin findet in der Tierernährung, in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie Anwendung. Es besteht daher ein allgemeines Interesse daran neue verbesserte Verfahren zur Herstellung von L-Threonin bereitzustellen.

Gegenstand der Erfindung ist eine in coryneformen Mikroorganismen replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA mit der Herkunft Corynebacterium, die zumindest die Nukleotidsequenz enthält, die für das thrE-Gen, dargestellt in der SEQ-ID-No. 1 und SEQ-ID-No. 3, codiert.

Gegenstand ist ebenfalls eine replizierbare DNA gemäß Anspruch 1 mit:

- (i) den Nukleotidsequenzen, gezeigt in SEQ-ID-No. 1 oder SEQ-ID-No. 3, die für das thrE-Gen codieren, oder
- (ii) mindestens einer Sequenz, die den Sequenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder
- (iii) mindestens einer Sequenz, die mit der zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und/oder gegebenenfalls
- (iv) funktionsneutralen Sinnumutationen in (i).

Ebenso sind coryneforme Mikroorganismen, insbesondere der Gattung Corynebacterium, transformiert durch die Einführung der genannten replizierbaren DNA Gegenstand der Erfindung.

Die Erfindung betrifft schließlich ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Threonin unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits L-Threonin produzieren und in denen die für das thrE-Gen codierende(n) Nukleotidsequenz(en) verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Der Begriff "Verstärkung" beschreibt in diesem Zusammenhang die Erhöhung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise die Kopienzahl des Gens bzw. der Gene erhöht, einen starken Promotor oder ein Gen verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer hohen Aktivität kodiert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können L-Threonin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien, insbesondere der Gattung Corynebacterium handeln. Bei der Gattung Corynebacterium ist insbesondere die Art Corynebacterium glutamicum zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung Corynebacterium, insbesondere der Art Corynebacterium glutamicum, sind besonders die bekannten Wildtypstämme:

- Corynebacterium glutamicum ATCC13032,
- Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806,
- Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870,
- Corynebacterium melassecola ATCC17965,
- Corynebacterium thermoaminogenes FERM-BP-1539,
- Brevibacterium flavum ATCC14067,
- Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
- Brevibacterium divaricatum ATCC14020

und daraus hergestellte L-Threonin produzierende Mutanten bzw. Stämme, wie beispielsweise *Corynebacterium glutamicum* ATCC21649,
Brevibacterium flavum BB69,
Brevibacterium flavum DSM5399,
Brevibacterium lactofermentum FERM-BP 269,
Brevibacterium lactofermentum TBB-10.

Den Erfindern gelang es, das *thrE*-Gen von *Corynebacterium glutamicum* zu isolieren. Zur Isolierung des *thrE*-Gens wird zunächst eine im *thrE*-Gen defekte Mutante von *C. glutamicum* hergestellt. Hierzu wird ein geeigneter Ausgangsstamm wie z. B. ATCC14752 oder ATCC13032 einem Mutagenese-Verfahren unterworfen.

Klassische Mutagenese-Verfahren sind die Behandlung mit Chemikalien wie z. B. N-Methyl-N-Nitro-N-Nitrosoguanidin oder UV-Bestrahlung. Derartige Verfahren zur Mutationsauslösung sind allgemein bekannt und können unter anderem bei Miller (A Short Course in Bacterial Genetics, A Laboratory Manual and Handbook for *Escherichia coli* and Related Bacteria (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1992)) oder im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) nachgelesen werden.

Ein anderes Mutagenese-Verfahren ist die Methode der Transposonmutagenese, bei der die Eigenschaft eines Transposons ausgenutzt wird, in DNA-Sequenzen zu "springen" und dadurch die Funktion des betreffenden Gens zu stören bzw. auszuschalten. Transposons coryneformer Bakterien sind in der Fachwelt bekannt. So wurden aus *Corynebacterium xerosis* Stamm M82B das Erythromycinresistenz-Transposon Tn5432 (Tauch et al., Plasmid (1995) 33: 168-179) und das Chloramphenicolresistenz-Transposon Tn5546 isoliert.

Ein anderes Transposon ist das Transposon Tn5531, das bei Ankri et al. (Journal of Bacteriology (1996) 178: 4412-4419) beschrieben wird und beispielhaft im Laufe der vorliegenden Erfindung eingesetzt wurde. Das Transposon Tn5531 enthält das *aph3*-Kanamycinresistenzgen und kann in Form des Plasmidvektors pCGL0040 verabreicht werden, der in Fig. 1 dargestellt ist. Die Nukleotidsequenz des Transposons Tn5531 ist unter der Zugangsnummer (accession number) U53587 bei dem National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA) frei verfügbar.

Nach erfolgter Mutagenese, vorzugsweise Transposon-Mutagenese, wird eine im *thrE*-Gen defekte Mutante gesucht. Eine im *thrE*-Gen defekte Mutante wird daran erkannt, daß sie auf Minimalagar gutes Wachstum, aber auf Minimalagar, der mit Threonin haltigen Oligopeptiden wie z. B. dem Tripeptid Threonyl-threonyl-Threonin supplementiert wurde, schlechtes Wachstum zeigt.

Ein Beispiel für eine derartige Mutante ist der Stamm ATCC14752Δ*ilvAthrE*::Tn5531.

Ein auf die beschriebene Weise hergestellter Stamm kann dann für die Isolierung und Klonierung des *thrE*-Gens verwendet werden.

Hierzu kann eine Genbank des interessierenden Bakteriums angelegt werden. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des *E. coli*-K-12-Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ-Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252: 255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84: 2160-2164) im *E. coli*-K-12-Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16: 1563-1575) angelegt wurde. Für die vorliegende Erfindung eignen sich solche Vektoren, die in coryneformen Bakterien vorzugsweise *Corynebacterium glutamicum* replizieren. Derartige Vektoren sind aus dem Stand der Technik bekannt; als Beispiel sei der Plasmidvektor pZ1 genannt, der bei Menkel et al. (Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554) beschrieben ist. Die auf die beschriebene Weise erhaltene Genbank wird anschließend mittels Transformation oder Elektroporation in den im *thrE*-Gen defekten Indikatorstamm überführt und solche Transformanten gesucht, die die Fähigkeit besitzen, in Gegenwart Threonin-haltiger Oligopeptide auf Minimalagar zu wachsen. Das klonierte DNA-Fragment kann anschließend einer Sequenzanalyse unterzogen werden.

Bei Verwendung einer durch Tn5531-Mutagenese erzeugten Mutante eines coryneformen Bakteriums wie z. B. der Stamm ATCC14752Δ*ilvAthrE*::Tn5531 kann das *thrE*::Tn5531-Allel direkt unter Ausnutzung des in ihm enthaltenen Kanamycinresistenzgens *aph3* kloniert und isoliert werden. Hierzu verwendet man bekannte Kloniervektoren wie z. B. pUC18 (Norrand et al., Gene (1983) 26: 101-106 und Yanisch-Perron et al., Gene (1985) 33: 103-119). Als Klonierwirte eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind. Ein Beispiel hierfür ist der Stamm DHSα_{mc}, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die Selektion auf Transformanten erfolgt in Gegenwart von Kanamycin. Die Plasmid-DNA der erhaltenen Transformanten wird anschließend sequenziert. Hierzu kann die von Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467) beschriebene Dideoxy-Kettenabbruchmethode verwendet werden. Hiernach erhält man die stromaufwärts und stromabwärts des Tn5531-Insertionsortes *thrE*-Gensequenzen. Die erhaltenen Nukleotidsequenzen werden dann mit kommerziell erhältlichen Sequenzanalyse-Programmen wie z. B. dem Programmpaket Lasergene (Biocomputing Software for Windows, DNASTAR, Madison, USA) oder dem Programmpaket HUSAR (Release 4.0, EMBL, Heidelberg, Deutschland) analysiert und zusammengefügt.

Auf diese Weise wurde die neue für das *thrE*-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ-ID No 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ-ID No 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des *thrE*-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ-ID No 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Codes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ-ID No 1 oder Teilen von SEQ-ID No 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z. B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als

"Sinnmutationen" (sense-mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d. h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169: 751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77: 237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3: 240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6: 1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ-ID-No. 2 ergeben sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

Unter Ausnutzung der in SEQ-ID-No. 1 dargestellten Nukleotidsequenz können geeignete Primer synthetisiert und diese dann dazu verwendet werden mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) thrE-Gene verschiedener coryneformierender Bakterien und Stämme zu amplifizieren. Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem beispielsweise im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: a practical approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994). Alternativ können die in SEQ-ID-No. 1 dargestellte Nukleotidsequenz oder Teile davon als Sonde zur Suche von thrE-Genen in Genbanken von insbesondere coryneformen Bakterien verwendet werden. Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem beispielsweise im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH, (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260) Die auf diese Weise amplifizierten thrE-Gen-haltigen DNA-Fragmente werden anschließend kloniert und sequenziert.

Auf diese Weise wurde die in SEQ-ID-No. 3 dargestellte DNA-Sequenz des thrE-Gens des Stammes ATCC13032 erhalten, die ebenfalls Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. In SEQ-ID-No. 4 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz dargestellt.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls ein Verfahren zur Isolierung des thrE-Gens, dadurch gekennzeichnet, daß man als Indikatorstämme im thrE-Gen defekte Mutanten, vorzugsweise coryneformer Bakterien gewinnt, die auf einem ein Threonin-haltiges Oligopeptid enthaltenden Nährmedium nicht oder nur gering wachsen und:

- a) das thrE-Gen nach dem Anlegen einer Genbank identifiziert und isoliert oder
- b) im Fall der Transposon-Mutagenese auf das bevorzugt eine Antibiotikaresistenz enthaltende Transposon selektiert und so das thrE-Gen erhält.

Die Erfinder fanden heraus, daß coryneforme Bakterien nach Überexpression des thrE-Gens in verbesserter Weise L-Threonin produzieren.

Zur Erzielung einer Überexpression kann die Kopienzahl der entsprechenden Gene erhöht werden, oder es kann die Promotor- und Regulationsregion oder die Ribosomenbindungsstelle, die sich stromaufwärts des Strukturgens befindet, mutiert werden. In gleicher Weise wirken Expressionskassetten, die stromaufwärts des Strukturgens eingebaut werden. Durch induzierbare Promotoren ist es zusätzlich möglich die Expression im Verlaufe der fermentativen L-Threonin-Produktion zu steigern. Durch Maßnahmen zur Verlängerung der Lebensdauer der m-RNA wird ebenfalls die Expression verbessert. Weiterhin wird durch Verhinderung des Abbaus des Enzymproteins ebenfalls die Enzymaktivität verstärkt. Die Gene oder Genkonstrukte können entweder in Plasmiden mit unterschiedlicher Kopienzahl vorliegen oder im Chromosom integriert und amplifiziert sein. Alternativ kann weiterhin eine Überexpression der betreffenden Gene durch Veränderung der Medienzusammensetzung und Kulturführung erreicht werden.

Anleitungen hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Martin et al. (Bio/Technology 5, 137-146 (1987)), bei Guerrero et al. (Gene 138, 35-41 (1994)), Tsuchiya und Morinaga (Bio/Technology 6, 428-430 (1988)), bei Eikmanns et al. (Gene 102, 93-98 (1991)), in der Europäischen Patentschrift EPS 0 472 869, im US Patent 4,601,893, bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9, 84-87 (1991)), bei Remscheid et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 126-132 (1994)), bei LaBarre et al. (Journal of Bacteriology 175, 1001-1007 (1993)), in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Malumbres et al. (Gene 134, 15-24 (1993)), in der japanischen Offenlegungsschrift JP-A-10-229891, bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58, 191-195 (1998)), bei Makrides (Microbiological Reviews 60: 512-538 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie.

Ein Beispiel für ein Plasmid, mit Hilfe dessen das thrE-Gen überexprimiert werden kann, ist pZ1thrE (Fig. 2), das in dem Stamm DM368-2 pZ1thrE enthalten ist. Plasmid pZ1thrE ist ein auf Plasmid pZ1 beruhender C.-glutamicum-E.-coli-Pendelvektor, der bei Menkel et al. (Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554) beschrieben ist. Andere in C. glutamicum replizierbare Plasmidvektoren wie z. B. pEKEx1 (Eikmanns et al., Gene 102: 93-98 (1991)) oder pZ8-1 (EP-B-0 375 889) können in gleicher Weise verwendet werden.

Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Threonin vorteilhaft sein, neben dem neuen thrE-Gen ein oder mehrere Enzyme des bekannten Threonin-Biosyntheseweges oder Enzyme des anaplerotischen Stoffwechsels oder Enzyme des Zitronensäure-Zyklus zu überexprimieren. So kann beispielsweise:

- gleichzeitig das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom-Gen (Peoples et al., Molecular Microbiology 2, 63-72 (1988)) oder das für eine "feed back resistente" Homoserin-Dehydrogenase kodierende hom^{dr}-Allel (Archer et al., Gene 107, 53-59 (1991)) oder
- gleichzeitig das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende pyc-Gen (DE-A-198 31 609) oder
- gleichzeitig das für die Malat:Chinon-Oxidoreduktase kodierende mqo-Gen (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395-403 (1998))

überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von L-Threonin vorteilhaft sein, neben der Überexpression des thrE-Gens unerwünschte Nebenreaktionen wie z. B. die Threonin-Dehydrogenase auszuschalten (Nakayama: "Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms", in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikity, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982 und Beil und Turner, Biochemical Journal 156, 449-458 (1976)).

Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen können kontinuierlich oder diskontinuierlich im Batch-Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch-Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von L-Threonin kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer-Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Störhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg-Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods for General Bacteriology" der American Society for Bacteriology (Washington D. C., USA. 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate, wie z. B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose; Öle und Fette, wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett; Fettsäuren, wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure; Alkohole, wie z. B. Glycerin und Ethanol und organische Säuren, wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff-haltige Verbindungen, wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen, wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium-haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten, wie z. B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe, wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH-Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z. B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete, selektiv wirkende Stoffe, z. B. Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff-haltige Gasmischungen, wie z. B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum an L-Threonin gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Die Analyse von L-Threonin kann durch Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin-Derivatisierung erfolgen, so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174) beschrieben.

Folgende Mikroorganismen wurden bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt:

- *Brevibacterium flavum* Stamm DM368-2 pZ1thrE als DSM 12840,
- *Escherichia coli* Stamm GM2929pCGL0040 als DSM 12839.

Beispiele

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Die Isolierung von Plasmid-DNA aus *Escherichia coli* sowie alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al. (Molecular cloning. A laboratory manual (1989) Cold Spring Harbour Laboratory Press) durchgeführt. Die Transformation von *Escherichia coli* wurde, wenn nicht anders beschrieben, nach Chung et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1989) 86: 2172-2175) durchgeführt.

Beispiel 1

Klonierung und Sequenzierung des thrE-Gens von *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752

1. Transposonmutagenese und Mutantenauswahl

Der Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 *ilvA* wurde einer Mutagenese mit dem Transposon Tn5531 unterworfen, dessen Sequenz unter der Accession-Nummer U53587 in der Nukleotid-Datenbank des National Center for Biotechnology Information (Bethesda, USA) hinterlegt ist. Der Einbau einer Deletion in das *ilvA*-Gen von *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 wurde mit dem bei Schäfer et al. (Gene (1994) 145: 69-73) beschriebenen System zum Genaustausch durchgeführt. Dazu wurde der von Sahm et al. konstruierte Inaktivierungsvektor pK19mobsacB*ilvA* (Applied and Environmental Microbiology (1999) 65: 1973-1979) zur Deletion verwendet. Zunächst wurde der Methy-lase-defekte *Escherichia coli* Stamm SCS110 (Jerpseth und Kretz, STRATEGIES in molecular biology 6, 22, (1993)) der Firma Stratagene (Heidelberg, Deutschland) mit 200 ng des Vektors pK19mobsacB*ilvA* transformiert. Transformanten wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 50 µg/mL Kanamycin enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus einer der Transformanten wurde das Plasmid pK19mobsacB*ilvA* präpariert. Mittels Elektroporation (Haynes et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 61: 329-334) wurde dieses Inaktivierungsplasmid dann in den Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 eingebracht. Klone, bei denen der Inaktivierungsvektor im Genom integriert vorlag, wurden

anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 15 µg/mL Kanamycin enthaltenden LBHS-Agarplatten identifiziert (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 65: 299-304). Um auf die Excision des Vektors zu selektieren, wurden Kanamycinresistente Klone auf Saccharose-haltigem LBG-Medium (LB-Medium mit 15 g/L Agar, 2% Glucose und 10% Saccharose) ausplattiert. Dabei wurden Kolonien erhalten, welche den Vektor durch ein zweites Rekombinationsereignis wieder verloren haben (Jäger et al.; Journal of Bacteriology (1992) 174: 5462-5465). Durch Überimpfen auf Minimalmediumplatten (CGXII-Medium mit 15 g/L Agar (Keilhauer et al., Journal of Bacteriology (1993) 175: 5595-5603)) mit und ohne 300 mg/L L-Isoleucin, bzw. mit und ohne 50 µg/mL Kanamycin wurden sechs Klone isoliert, die durch Excision des Vektors Kanamycin sensitiv und Isoleucin auxotroph waren, und bei denen nun das unvollständige *ilvA*-Gen (Δ ilvA-Allel) im Genom vorlag. Einer dieser Klone wurde als Stamm ATCC14752 Δ ilvA bezeichnet und zur Transposonmutagenese eingesetzt.

Aus dem Methylase-defekten E.-coli-Stamm GM2929pCGL0040 (E. coli GM2929: Palmer et al., Gene (1994) 143: 1-12) wurde das Plasmid pCGL0040 isoliert, welches das zusammengesetzte Transposon Tn5531 enthält (Ankri et al., Journal of Bacteriology (1996) 178: 4412-4419). Der Stamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 Δ ilvA wurde mittels Elektroporation (Haynes et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 61: 329-334) mit dem Plasmid pCGL0040 transformiert. Klone, bei denen das Transposon Tn5531 ins Genom integriert war, wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 15 µg/mL Kanamycin enthaltenden LBHS-Agarplatten identifiziert (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 65: 299-304). Auf diese Weise wurden 2000 Klone erhalten, welche auf verzögertes Wachstum in Anwesenheit von Threonyl-threonyl-threonin überprüft wurden. Dazu wurden alle Klone einzeln auf CGXII-Minimalmedium-Agarplatten mit und ohne 2 mM Threonyl-threonyl-threonin übertragen. Das Medium war identisch mit dem bei Keilhauer et al. beschriebenen Medium CGXII (Journal of Bacteriology (1993) 175: 5593-5603), enthielt aber zusätzlich 25 µg/mL Kanamycin, 300 mg/L L-Isoleucin und 15 g/L Agar. Die Zusammensetzung des von Keilhauer et al. beschriebenen Mediums ist in Tabelle 1 dargestellt.

Tabelle 1

Zusammensetzung des Mediums CGXII

Komponente	Konzentration
(NH ₄) ₂ SO ₄	20 g/L
Harnstoff	5 g/L
KH ₂ PO ₄	1 g/L
K ₂ HPO ₄	1 g/L
MgSO ₄ x 7 H ₂ O	0,25 g/L
3-Morpholinopropansulfonsäure	42 g/L
CaCl ₂	10 mg/L
FeSO ₄ x 7 H ₂ O	10 mg/L
MnSO ₄ x H ₂ O	10 mg/L
ZnSO ₄ x 7H ₂ O	1 mg/L
CuSO ₄	0,2 mg/L
NiCl ₂ x 6 H ₂ O	0,02 mg/L
Biotin	0,2 mg/L
Glukose	40 g/L
Protokatechusäure	30 mg/L

Die Agarplatten wurden bei 30°C inkubiert und das Wachstum nach 12, 18 und 24 Stunden untersucht. Es wurde eine Transposonmutante erhalten, die ohne Threonyl-threonyl-threonin vergleichbar mit dem Ausgangsstamm *Corynebacterium glutamicum* ATCC14752 Δ ilvA wuchs, in Anwesenheit von 2 mM Threonyl-threonyl-threonin aber verzögertes Wachstum zeigte. Diese wurde als ATCC14752 Δ ilvAthrE::Tn5531 bezeichnet.

2. Klonierung und Sequenzierung des Insertionsortes von Tn5531 in ATCC14752 Δ ilvAthrE::Tn5531

Um den stromaufwärts des Transposons Tn5531 gelegenen Insertionsort in der in Beispiel 1.1 beschriebenen Mutante zu klonieren, wurde zunächst die chromosomale DNA dieses Mutantenstammes, wie bei Schwarzer et al. (Bio/Technology (1990) 9: 84-87) beschrieben, isoliert und 400 ng davon mit der Restriktionsendonuklease EcoRI geschnitten. Der

vollständige Restriktionsansatz wurde in den ebenfalls mit EcoRI linearisierten Vektor pUC18 (Norandex et al., Gene (1983) 26: 101-106) der Firma Roche Diagnostics (Mannheim, Deutschland) ligiert. Mit dem gesamten Ligationsansatz wurde der E.-coli-Stamm DH5 α mc α r (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1990) 87: 4645-4649) mittels Elektroporation transformiert (Dower et al., Nucleic Acid Research (1988) 16: 6127-6145). Transformanten, bei denen auf dem Vektor pUC18 die Insertionsorte des Transposons Tn5531 kloniert vorlagen, wurden anhand ihrer Carbenicillin- und Kanamycinresistenz auf 50 μ g/mL Carbenicillin und 25 μ g/mL Kanamycin enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus drei der Transformanten wurden die Plasmide präpariert und durch Restriktionsanalyse die Größen der klonierten Inserts bestimmt. Die Nukleotidsequenz des Insertionsortes auf einem der Plasmide mit einem ca. 5,7 kb großen Insert wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. bestimmt (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Hierzu wurden 2,2 kb des Inserts ausgehend von folgendem Oligonukleotid-Primer sequenziert: 5'-CGG GTC TAC ACC GCT AGC CCA GG-3'.

Zur Identifizierung des stromabwärts des Transposons gelegenen Insertionsortes wurde die chromosomale DNA der Mutante mit der Restriktionsendonuklease XbaI geschnitten und in den mit XbaI linearisierten Vektor pUC18 ligiert. Die weitere Klonierung wurde, wie oben beschrieben, durchgeführt. Die Nukleotidsequenz des Insertionsortes auf einem der Plasmide mit einem ca. 8,5 kb großen Insert wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. bestimmt (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Hierzu wurden 0,65 kb des Inserts, ausgehend von folgendem Oligonukleotid-Primer, sequenziert: 5'-CGG TGC CTT ATC CAT TCA GG-3'.

Die erhaltenen Nukleotidsequenzen wurde mit dem Programmpaket Lasergene (Biocomputing Software for Windows, DNASTAR, Madison, USA) analysiert und zusammengefügt. Diese Nukleotidsequenz ist als SEQ-ID-No 1 wiedergegeben. Die Analyse ergab die Identifizierung eines offenen Leserasters von 1467 bp Länge. Das entsprechende Gen wurde als thrE-Gen bezeichnet. Das dazugehörige Genprodukt umfasst 489 Aminosäuren und ist als SEQ-ID-No 2 wiedergegeben.

Beispiel 2

Klonierung und Sequenzierung des Gens thrE aus Corynebacterium glutamicum ATCC13032

Das Gen thrE wurde in den E.-coli-Klonierungsvektor pUC18 (Norrandet et al., Gene (1983) 26: 101-106, Roche Diagnostics, Mannheim, Deutschland) kloniert. Die Klonierung wurde in zwei Schritten durchgeführt. Zunächst wurde durch eine Polymerasekettenreaktion (PCR) das Gen aus Corynebacterium glutamicum ATCC13032 mittels folgender aus SEQ-ID-No 1 abgeleiteter Oligonukleotid-Primer amplifiziert.

thrE-forward:

5'-CCC CTT TGA CCT GGT GTT ATT G-3'

thrE-reverse:

5'-CGG CTG CGG TTT CCT CTT-3'

Die PCR-Reaktion wurde in 30 Zyklen in Gegenwart von 200 μ M Deoxynukleotid-triphosphaten (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), je 1 μ M des entsprechenden Oligonukleotids, 100 ng chromosomaler DNA von Corynebacterium glutamicum ATCC13032, 1/10 Volumen 10-fach Reaktionspuffer und 2,6 Einheiten einer hitzestabilen Taq-/Pwo-DNA-Polymerase-Mischung (Expand High Fidelity PCR System der Firma Roche Diagnostics, Mannheim, Deutschland) in einem Thermocycler (PTC-100, MJ Research, Inc., Watertown, USA) unter folgenden Bedingungen durchgeführt: 94°C für 30 Sekunden, 58°C für 30 Sekunden und 72°C für 2 Minuten.

Das amplifizierte etwa 1,9 kb große Fragment wurde dann im folgenden mit Hilfe des SureClone Ligation Kit (Amersham Pharmacia Biotech, Uppsala, Schweden) nach Angaben des Herstellers in die SmaI-Schnittstelle des Vektors pUC18 ligiert. Mit dem gesamten Ligationsansatz wurde der E.-coli-Stamm DH5 α mc α r (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1990) 87: 4645-4649) transformiert. Transformanten wurden anhand ihrer Carbenicillinresistenz auf 50 μ g/mL Carbenicillin enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus 8 der Transformanten wurden die Plasmide präpariert und durch Restriktionsanalyse auf das Vorhandensein des 1,9 kb-PCR-Fragments als Insert überprüft. Das so entstandene rekombinante Plasmid wird im folgenden mit pUC18thrE bezeichnet.

Die Nukleotidsequenz des 1,9 kb-PCR-Fragments in Plasmid pUC18thrE wurde nach der Dideoxy-Kettenabbruchmethode von Sanger et al. bestimmt (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1977) 74: 5463-5467). Hierzu wurde das vollständige Insert von pUC18thrE mit Hilfe folgender Primer der Firma Roche Diagnostics (Mannheim, Deutschland) sequenziert.

Universalprimer:

5'-GTA AAA CGA CGG CCA GT-3'

Reverseprimer:

5'-GGA AAC AGC TAT GAC CAT G-3'

Die Nukleotidsequenz ist als SEQ-ID-No 3 wiedergegeben. Die erhaltene Nukleotidsequenz wurde mit dem Pro-

granmpaket Lasergene (Biocomputing Software for Windows, DNASTAR, Madison, USA) analysiert. Die Analyse ergab die Identifizierung eines offenen Leserasters von 1467 bp Länge, das als thrE-Gen bezeichnet wurde. Dieses kodiert für ein Polypeptid von 489 Aminosäuren, welches als SEQ-ID-No 4 wiedergegeben ist.

Beispiel 3

Expression des Gens thrE in *Corynebacterium glutamicum*

Das unter Beispiel 2 beschriebene Gen thrE aus *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032 wurde zur Expression in den Vektor pZ1 kloniert (Menkel et al., Applied and Environmental Microbiology (1989) 64: 549-554). Dazu wurde aus dem Plasmid pUC18thrE mit den Restriktionsenzymen SacI und XbaI ein 1881 bp großes, das Gen thrE enthaltendes DNA-Fragment ausgeschnitten. Die 5'- und 3'-Enden dieses Fragments wurden mit Klenow-Enzym behandelt. Das resultierende DNA-Fragment wurde in den zuvor mit Scal linearisierten und dephosphorylierten Vektor pZ1 ligiert. Mit dem gesamten Ligationsansatz wurde der E.-coli-Stamm DH5 α mc (Grant et al., Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA (1990) 87: 4645-4649) transformiert. Transformanten wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 50 μ g/mL Kanamycin enthaltenden LB-Agarplatten identifiziert. Aus 2 Transformanten wurden die Plasmide präpariert und durch Restriktionsanalyse auf das Vorhandensein des 1881 bp-ScaI/XbaI-Fragments als Insert überprüft. Das auf diese Weise entstandene, rekombinante Plasmid wurde als pZ1thrE bezeichnet (Fig. 2).

Mittels Elektroporation (Haynes et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 61: 329-334) wurden die Plasmide pZ1 und pZ1thrE in den threoninbildenden Stamm *Brevibacterium flavum* DM368-2 eingebracht. Der Stamm DM368-2 ist in der EP-B-0 385 940 beschrieben und als DSM5399 hinterlegt. Transformanten wurden anhand ihrer Kanamycinresistenz auf 15 μ g/mL Kanamycin enthaltenden LBHIS-Agarplatten identifiziert (Liebl et al., FEMS Microbiology Letters (1989) 65: 299-304). Auf diese Weise entstanden die Stämme *Brevibacterium flavum* DM368-2 pZ1 und DM368-2 pZ1thrE.

Beispiel 5

Herstellung von L-Threonin mit *Brevibacterium flavum*

Zur Untersuchung ihrer Threoninbildung wurden die Stämme B. flavum DM368-2 pZ1 und DM368-2 pZ1thrE in 100 mL Brain Heart Infusion-Medium mit 50 μ g Kanamycin/mL (Difco Laboratories, Detroit, USA) für 14 Stunden bei 30°C vorkultiviert. Anschließend wurden die Zellen einmal mit 0,9% (w/v) Natriumchloridlösung gewaschen und mit dieser Suspension je 60 mL CgXII-Medium so angeimpft, daß die OD₆₀₀ (optische Dichte bei 600 nm) 0,5 betrug. Das Medium war identisch mit dem bei Keilhauer et al. beschriebenen Medium (Journal of Bacteriology (1993) 175: 5593-5603), enthielt aber zusätzlich 50 μ g Kanamycin pro mL. Die Kultivierung beider Stämme wurde bei 30°C über einen Zeitraum von 72 Stunden durchgeführt. Nach 0, 24, 48 und 72 Stunden wurden jeweils Proben genommen und die Zellen kurz abzentrifugiert (5 Minuten bei 13000 Umdrehungen pro Minute mit einer Biofuge pico der Firma Heraeus, Osterode, Deutschland).

Die quantitative Bestimmung der extrazellulären Aminosäurekonzentrationen aus dem Kulturüberstand erfolgte mittels reversed phase HPLC (Lindroth et al., Analytical chemistry (1979) 51: 1167-1174). Es wurde ein HPLC-Gerät der Serie HP1100 (Hewlett-Packard, Waldbronn, Deutschland) mit angeschlossenem Fluoreszenzdetektor (G1321A) verwendet; die Systemsteuerung und die Auswertung der Daten erfolgte mit einer HP-Chem-Station (Hewlett-Packard). 1 μ L der zu analysierenden Aminosäurelösung wurde in einer automatischen Vorsäulenderivatisierung mit 20 μ L ortho-Phthalaldehyd/2-Mercaptoethanol-Fertigreagenz (Pierce Europe BV, Oud-Beijerland, Niederlande) gemischt. Die dabei entstehenden fluoreszierenden, thiosubstituierten Isoindole (Jones et al., Journal of Chromatography (1983) 266: 471-482) wurden über eine kombinierte Vorsäule (40 x 4 mm Hypersil ODS 5) und Hauptsäule (Hypersil ODS 5, beide Säulen von der Firma CS-Chromatographie-Service GmbH, Langerwehe, Deutschland) mit einem Gradientenprogramm mit zunehmend unpolare Phase (Methanol) aufgetrennt. Das polare Eluent war Natriumacetat (0,1 Molar, pH 7,2); die Flußrate betrug 0,8 mL pro Minute. Die Fluoreszenzdetektion der derivatisierten Aminosäuren erfolgte bei einer Anregungswellenlänge von 230 nm und einer Emissionswellenlänge von 450 nm. Die Aminosäurekonzentrationen wurden über einen Vergleich mit einem externen Standard und Asparagin als zusätzlichem, internem Standard berechnet.

Die Ergebnisse sind in Tabelle 2 aufgeführt.

Tabelle 2

Stamm	L-Threonin (g/L)			
	0 Std.	24 Std.	48 Std.	72 Std.
DM368-2 pZ1	0	0,46	1,27	1,50
DM368-2 pZ1thrE	0	0,68	1,71	2,04

Folgende Figuren sind beigelegt:

Fig. 1 Karte des das Transposon Tn5531 enthaltenden Plasmids pCGI.0040. Das Transposon ist als nicht schraffierter Pfeil gekennzeichnet.

Fig. 2 Karte des das thrE-Gen enthaltenden Plasmids pZ1thrE.
Längenangaben sind als ca.-Angaben aufzufassen. Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung:

- ... BglII: Restriktionsendonuklease aus *Bacillus globigii*, 5
 - .. EcoRI: Restriktionsendonuklease aus *Escherichia coli*,
 - EcoRV: Restriktionsendonuklease aus *Escherichia coli*,
 - SacI: Restriktionsendonuklease aus *Streptomyces achromogenes*,
 - XbaI: Restriktionsendonuklease aus *Xanthomonas badrii*, 10
 - XhoI: Restriktionsendonuklease aus *Xanthomonas holcicola*,
 - Amp: Ampicillinresistenzgen,
 - Kan: Kanamycinresistenzgen,
 - 'amp: 3'-Teil des Ampicillinresistenzgens,
 - oriBR322: Replikationsregion des Plasmides pBR322. 15
- 20
- 25
- 30
- 35
- 40
- 45
- 50
- 55
- 60
- 65

SEQUENZPROTOKOLL

10

DE 199 41 478 A 1

acc atc ttc acc aac atc ggt gtg gag agg aag atg ccg gtc aac gtg	703	
Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg Lys Met Pro Val Asn Val		
90 95 100		
ttt cat gtt gtg ggc aag ttg gac acc aac ttc tcc aaa ctg tct gag	751	5
Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn Phe Ser Lys Leu Ser Glu		
105 110 115		
gtt gac cgt ttg atc cgt tcc att cag gct ggt gct acc ccg cct gag	799	10
Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala Gly Ala Thr Pro Pro Glu		
120 125 130		
gtt gcc gag aaa att ctg gac gag ttg gag caa tcg cct gcg tct tat	847	15
Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu Gln Ser Pro Ala Ser Tyr		
135 140 145 150		
ggt ttc cct gtt gcg ttg ctt ggc tgg gca atg atg ggt ggc gct gtt	895	20
Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala Met Met Gly Gly Ala Val		
155 160 165		
gct gtg ctg ttg ggt ggt gga tgg cag gtt tcc cta att gct ttt att	943	
Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val Ser Leu Ile Ala Phe Ile		
170 175 180		
acc gcg ttc acg atc att gcc acg acg tca ttt ttg gga aag aag ggt	991	25
Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser Phe Leu Gly Lys Lys Gly		
185 190 195		
ttg cct act ttc ttc caa aat gtt gtt ggt ggt ttt att gcc acg ctg	1039	30
Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly Gly Phe Ile Ala Thr Leu		
200 205 210		
cct gca tcg att gct tat tct ttg gcg ttg caa ttt ggt ctt gag atc	1087	35
Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu Gln Phe Gly Leu Glu Ile		
215 220 225 230		
aaa ccg agc cag atc atc gca tct gga att gtt gtg ctg ttg gca ggt	1135	40
Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile Val Val Leu Leu Ala Gly		
235 240 245		
ttg aca ctt gtg caa tct ctg cag gac ggc atc acg ggc gct ccg gtg	1183	
Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly Ile Thr Gly Ala Pro Val		
250 255 260		
aca gca agt gca cga ttt ttt gaa aca ctc ctg ttt acc ggc ggc att	1231	45
Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu Leu Phe Thr Gly Gly Ile		
265 270 275		
gtt gct ggc gtg ggt ttg ggc att cag ctt tct gaa atc ttg cat gtc	1279	50
Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu Ser Glu Ile Leu His Val		
280 285 290		
atg ttg cct gcc atg gag tcc gct gca gca cct aat tat tcg tct aca	1327	55
Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala Pro Asn Tyr Ser Ser Thr		
295 300 305 310		
ttc gcc cgc att atc gct ggt ggc gtc acc gca gcg gcc ttc gca gtg	1375	60
Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr Ala Ala Ala Phe Ala Val		
315 320 325		
ggt tgt tac gcg gag tgg tcc tcg gtg att att gcg ggg ctt act gcg	1423	65
Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile Ile Ala Gly Leu Thr Ala		
330 335 340		

DE 199 41 478 A 1

ctg atg ggt tct gcg ttt tat tac ctc ttc gtt gtt tat tta ggc ccc 1471
 Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe Val Val Tyr Leu Gly Pro
 345 350 355

5 gtc tct gcc gct gcg att gct gca aca gca gtt ggt ttc act ggt ggt 1519
 Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala Val Gly Phe Thr Gly Gly
 360 365 370

10 ttg ctt gcc cgt cga ttc ttg att cca ccg ttg att gtg gcg att gcc 1567
 Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro Leu Ile Val Ala Ile Ala
 375 380 385 390

15 ggc atc aca cca atg ctt cca ggt cta gca att tac cgc gga atg tac 1615
 Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Arg Gly Met Tyr
 395 400 405

20 gcc acc ttg aat gat caa aca ctc atg ggt ttc acc aac att gcg gtt 1663
 Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly Phe Thr Asn Ile Ala Val
 410 415 420

gct tta gcc act gct tca tca ctt gcc gct gcc gtg gtt ttg ggt gag 1711
 Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala Gly Val Val Leu Gly Glu
 425 430 435

25 tgg att gcc cgc agg cta cgt cgt cca cca cgc ttc aac cca tac cgt 1759
 Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro Arg Phe Asn Pro Tyr Arg
 440 445 450

30 gca ttt acc aag gcg aat gag ttc tcc ttc cag gag gaa gct gag cag 1807
 Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe Gln Glu Glu Ala Glu Gln
 455 460 465 470

aat cag cgc cgg cag aga aaa cgt cca aag act aat caa aga ttc ggt 1855
 Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys Thr Asn Gln Arg Phe Gly
 35 475 480 485

aat aaa agg taaaaatcaa cctgcttagg cgtctttcgc ttaaatagcg 1904
 Asn Lys Arg

40 tagaatatcg ggtcgatcgc ttttaaacac tcaggaggat ccttgccggc caaaatcacg 1964
 gacactcgtc ccaccccaga atcccttcac gctgttgaag aggaaaccgc agccggtgcc 2024
 cgcaggattg ttgccaccta ttctaaggac ttcttcgacg gcgtcacttt gatgtgcatg 2084

45 ctcggcggtt aacctcaggg cctgcgttac accaagggtcg cttctgaaca cgaggaagct 2144
 cagccaaaga aggctacaaa gcggactcgt aaggcaccag ctaagaaggc tgctgctaag 2204

50 aaaacgacca agaagaccac taagaaaact actaaaaaga ccaccgcaaa gaagaccaca 2264
 aagaagtctt aagccggatc ttatatggat gattccaata gctttgtagt tgttgctaac 2324
 cgtctgccag ttgatatgac tgtccacca gatggttagct atagcatctc cccagcccc 2384

55 ggtggccttg tcacggggct ttccccggt ctggaacaac atcgtggatg ttgggtcgga 2444
 tggcctggaa ctgtagatgt tgcacccgaa ccatttcgaa cagatacggg tgttttgctg 2504

60 caccctgttg tctcactgc aagtgactat gaaggcttct acgagggctt ttcaaacgca 2564
 acgctgtggc ctcttttcca cgatttgatt gttactccgg tgtacaacac cgattgggtg 2624
 catgcgtttc gggaagtaaa cctcaagttc gctgaagccg tgagccaagt ggcggcacac 2684

65

DE 199 41 478 A 1

gggtgccactg tgtgggtgca ggactatcag ctgttgctgg ttcttgccat tttgcgccag 2744
 atgcgccctg atttgaagat cggtttcttc ctccacattc ccttcccttc cctgatctg 2804
 ttccgtcagc tgc 2817

<210> 2
 <211> 489
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum ATCC14752

<400> 2
 Met Leu Ser Phe Ala Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala
 1 5 10 15
 Ala Lys Ala Ala Pro Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr
 20 25 30
 Asp His Ser Gln Val Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly
 35 40 45
 Asp Ile Leu Leu Ser Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln
 50 55 60
 Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp
 65 70 75 80
 Ile Thr Leu Asn Thr Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg
 85 90 95
 Lys Met Pro Val Asn Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn
 100 105 110
 Phe Ser Lys Leu Ser Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala
 115 120 125
 Gly Ala Thr Pro Pro Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu
 130 135 140
 Gln Ser Pro Ala Ser Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala
 145 150 155 160
 Met Met Gly Gly Ala Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val
 165 170 175
 Ser Leu Ile Ala Phe Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser
 180 185 190
 Phe Leu Gly Lys Lys Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly
 195 200 205
 Gly Phe Ile Ala Thr Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu
 210 215 220
 Gln Phe Gly Leu Glu Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile
 225 230 235 240
 Val Val Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly
 245 250 255
 Ile Thr Gly Ala Pro Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu
 260 265 270

DE 199 41 478 A 1

Leu Ph Thr Gly Gly Il Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu
 275 280 285
 5 Ser Glu Ile Leu His Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala
 290 295 300
 Pro Asn Tyr Ser Ser Thr Phe Ala Arg Ile Il Ala Gly Gly Val Thr
 305 310 315 320
 10 Ala Ala Ala Phe Ala Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile
 325 330 335
 Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe
 340 345 350
 15 Val Val Tyr Leu Gly Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala
 355 360 365
 Val Gly Phe Thr Gly Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro
 370 375 380
 Leu Ile Val Ala Ile Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala
 385 390 395 400
 25 Ile Tyr Arg Gly Met Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly
 405 410 415
 Phe Thr Asn Ile Ala Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala
 420 425 430
 30 Gly Val Val Leu Gly Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro
 435 440 445
 Arg Phe Asn Pro Tyr Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe
 450 455 460
 Gln Glu Glu Ala Glu Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys
 465 470 475 480
 40 Thr Asn Gln Arg Phe Gly Asn Lys Arg
 485
 45 <210> 3
 <211> 1909
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum ATCC13032
 50 <220>
 <221> CDS
 <222> (280)..(1746)
 <223> thrE-Gen
 55 <400> 3
 agcttgcatg cctgcaggtc gactctagag gatcccccc ctttgacctg gtgttattga 60
 gctggagaag agacttgaac tctcaacctt cgcattacaa gtgcgttgcg ctgccaatg 120
 60 cgccactcca gcaccgcaga tgctgatgat caacaactac gaatacgtat cttagcgtat 180
 gtgtacatca caatggaatt cggggctaga gtatctggtg aaccgtgcat aaacgacctg 240
 65

DE 199 41 478 A 1

tgattggact ctttttcctt gcaaaatgtt ttccagcgg atg ttg agt ttt gcg	294	
Met Leu Ser Phe Ala		
1 5		
acc ctt cgt ggc cgc att tca aca gtt gac gct gca aaa gcc gca cct	342	5
Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala Ala Lys Ala Ala Pro		
10 15 20		
ccg cca tcg cca cta gcc ccg att gat ctc act gac cat agt caa gtg	390	10
Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr Asp His Ser Gln Val		
25 30 35		
gcc ggt gtg atg aat ttg gct gcg aga att ggc gat att ttg ctt tct	438	15
Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly Asp Ile Leu Leu Ser		
40 45 50		
tca ggt acg tca aat agt gac acc aag gta caa gtt cga gca gtg acc	486	20
Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln Val Arg Ala Val Thr		
55 60 65		
tct gcg tac ggt ttg tac tac acg cac gtg gat atc acg ttg aat acg	534	25
Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp Ile Thr Leu Asn Thr		
70 75 80 85		
atc acc atc ttc acc aac atc ggt gtg gag agg aag atg ccg gtc aac	582	30
Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg Lys Met Pro Val Asn		
90 95 100		
gtg ttt cat gtt gta ggc aag ttg gac acc aac ttc tcc aaa ctg tct	630	35
Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn Phe Ser Lys Leu Ser		
105 110 115		
gag gtt gac cgt ttg atc cgt tcc att cag gct ggt gcg acc ccg cct	678	40
Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala Gly Ala Thr Pro Pro		
120 125 130		
gag gtt gcc gag aaa atc ctg gac gag ttg gag caa tcc cct gcg tct	726	45
Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu Gln Ser Pro Ala Ser		
135 140 145		
tat ggt ttc cct gtt gcg ttg ctt ggc tgg gca atg atg ggt ggt gct	774	50
Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala Met Met Gly Gly Ala		
150 155 160 165		
gtt gct gtg ctg ttg ggt ggt gga tgg cag gtt tcc cta att gct ttt	822	55
Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val Ser Leu Ile Ala Phe		
170 175 180		
att acc gcg ttc acg atc att gcc acg acg tca ttt ttg gga aag aag	870	60
Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser Phe Leu Gly Lys Lys		
185 190 195		
ggt ttg cct act ttc ttc caa aat gtt gtt ggt ggt ttt att gcc acg	918	65
Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly Gly Phe Ile Ala Thr		
200 205 210		
ctg cct gca tcg att gct tat tct ttg gcg ttg caa ttt ggt ctt gag	966	
Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu Gln Phe Gly Leu Glu		
215 220 225		
atc aaa ccg agc cag atc atc gca tct gga att gtt gtg ctg ttg gca	1014	
Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile Val Val Leu Leu Ala		
230 235 240 245		

DE 199 41 478 A 1

	ggt ttg aca ctc gtg caa tct ctg cag gac ggc atc acg ggc gct ccg	1062
	Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly Ile Thr Gly Ala Pro	
	250 255 260	
5	gtg aca gca agt gca cga ttt ttc gaa aca ctc ctg ttt acc ggc ggc	1110
	Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu Leu Phe Thr Gly Gly	
	265 270 275	
10	att gtt gct ggc gtg ggt ttg ggc att cag ctt tct gaa atc ttg cat	1158
	Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu Ser Glu Ile Leu His	
	280 285 290	
15	gtc atg ttg cct gcc atg gag tcc gct gca gca cct aat tat tcg tct	1206
	Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala Pro Asn Tyr Ser Ser	
	295 300 305	
20	aca ttc gcc cgc att atc gct ggt ggc gtc acc gca gcg gcc ttc gca	1254
	Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr Ala Ala Ala Phe Ala	
	310 315 320 325	
	gtg ggt tgt tac gcg gag tgg tcc tcg gtg att att gcg ggg ctt act	1302
	Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile Ile Ala Gly Leu Thr	
	330 335 340	
25	gcg ctg atg ggt tct gcg ttt tat tac ctc ttc gtt gtt tat tta ggc	1350
	Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe Val Val Tyr Leu Gly	
	345 350 355	
30	ccc gtc tct gcc gct gcg att gct gca aca gca gtt ggt ttc act ggt	1398
	Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala Val Gly Phe Thr Gly	
	360 365 370	
35	ggt ttg ctt gcc cgt cga ttc ttg att cca ccg ttg att gtg gcg att	1446
	Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro Leu Ile Val Ala Ile	
	375 380 385	
40	gcc ggc atc aca cca atg ctt cca ggt cta gca att tac cgc gga atg	1494
	Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Arg Gly Met	
	390 395 400 405	
	tac gcc acc ctg aat gat caa aca ctc atg ggt ttc acc aac att gcg	1542
	Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly Phe Thr Asn Ile Ala	
	410 415 420	
45	gtt gct tta gcc act gct tca tca ctt gcc gct ggc gtg gtt ttg ggt	1590
	Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala Gly Val Val Leu Gly	
	425 430 435	
50	gag tgg att gcc cgc agg cta cgt cgt cca cca cgc ttc aac cca tac	1638
	Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro Arg Phe Asn Pro Tyr	
	440 445 450	
55	cgt gca ttt acc aag gcg aat gag ttc tcc ttc cag gag gaa gct gag	1686
	Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe Gln Glu Glu Ala Glu	
	455 460 465	
60	cag aat cag cgc cgg cag aga aaa cgt cca aag act aat cag aga ttc	1734
	Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys Thr Asn Gln Arg Phe	
	470 475 480 485	
65	ggt aat aaa agg taaaaatcaa cctgcttagg cgtctttcgc ttaaatagcg	1786
	Gly Asn Lys Arg	
	tagaatatcg ggtcgatcgc ttttaaacac tcaggaggat ccttgccggc caaaatcacg	1846

DE 199 41 478 A 1

gacactcgtc ccaccccaga atcccttcac gctgttgaag aggaaaccgc agccggggta 1906

ccg

1909

<210> 4

<211> 489

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum ATCC13032

<400> 4

Met Leu Ser Phe Ala Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala
1 5 10 15

Ala Lys Ala Ala Pro Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr
20 25 30

Asp His Ser Gln Val Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly
35 40 45

Asp Ile Leu Leu Ser Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln
50 55 60

Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp
65 70 75 80

Ile Thr Leu Asn Thr Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg
85 90 95

Lys Met Pro Val Asn Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn
100 105 110

Phe Ser Lys Leu Ser Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala
115 120 125

Gly Ala Thr Pro Pro Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu
130 135 140

Gln Ser Pro Ala Ser Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala
145 150 155 160

Met Met Gly Gly Ala Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val
165 170 175

Ser Leu Ile Ala Phe Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser
180 185 190

Phe Leu Gly Lys Lys Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly
195 200 205

Gly Phe Ile Ala Thr Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu
210 215 220

Gln Phe Gly Leu Glu Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile
225 230 235 240

Val Val Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly
245 250 255

Ile Thr Gly Ala Pro Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu
260 265 270

Leu Phe Thr Gly Gly Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu
275 280 285

Ser Glu Ile Leu His Val M t Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala
 290 295 300
 Pro Asn Tyr Ser Ser Thr Phe Ala Arg Il Ile Ala Gly Gly Val Thr
 5 305 310 315 320
 Ala Ala Ala Phe Ala Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile
 325 330 335
 10 Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe
 340 345 350
 Val Val Tyr Leu Gly Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala
 355 360 365
 15 Val Gly Phe Thr Gly Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro
 370 375 380
 20 Leu Ile Val Ala Ile Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala
 385 390 395 400
 Ile Tyr Arg Gly Met Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly
 405 410 415
 25 Phe Thr Asn Ile Ala Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala
 420 425 430
 Gly Val Val Leu Gly Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro
 435 440 445
 30 Arg Phe Asn Pro Tyr Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe
 450 455 460
 Gln Glu Glu Ala Glu Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys
 35 465 470 475 480
 Thr Asn Gln Arg Phe Gly Asn Lys Arg
 485

40

Patentansprüche

1. In coryneformen Mikroorganismen replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA mit der Herkunft Corynebacterium, die zumindest eine Nukleotidsequenz enthält, die für das thrE-Gen codiert.
- 45 2. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 1 mit
 - (i) den Nukleotidsequenzen, gezeigt in SEQ-ID-No. 1, oder SEQ-ID-No. 3, die für das thrE-Gen codieren, oder
 - (ii) mindestens einer Sequenz, die den Squenzen (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Codes entspricht, oder
 - 50 (iii) mindestens einer Sequenz, die mit den zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisiert, und/oder gegebenenfalls
 - (iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).
3. Aminosäuresequenz des Proteins, abgeleitet aus den Nukleotidsequenzen gemäß den Ansprüchen 1 oder 2, dargestellt in der SEQ-ID-No. 2 und der SEQ-ID-No. 4.
- 55 4. Coryneforme Mikroorganismen, insbesondere der Gattung Corynebacterium, transformiert durch die Einführung einer oder mehrerer der replizierbaren DNA gemäß einem der Ansprüche 1 oder 2.
5. Corynebacterium glutamicum DM368-2 pZ1thrE, hinterlegt unter der Nummer DSM 12840.
6. Verfahren zur Herstellung von L-Threonin durch Fermentation coryneformner Bakterien, dadurch gekennzeichnet, daß man Bakterien einsetzt, in denen Nukleotidsequenzen, codierend für das thrE-Gen, verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.
- 60 7. Verfahren gemäß Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß man Bakterien einsetzt, in denen zusätzlich eines oder mehrere Gene des Threonin-Biosyntheseweges verstärkt.
8. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 und 7, dadurch gekennzeichnet, daß man einen mit einem Plasmidvektor transformierten Stamm einsetzt und der Plasmidvektor die für das thrE-Gen codierende Nucleotidsequenz trägt.
- 65 9. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 8, dadurch gekennzeichnet, daß man das thrE-Gen in Mikroorganismen überexprimiert, die weitere Metabolit- bzw. Antimetabolit-Resistenzmutationen aufweisen.
10. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 9, dadurch gekennzeichnet, daß man die Mikroorganismen zur Erzielung der Überexpression in geänderten Kulturmedien fermentiert und/oder die Fermentationsführung ändert.

11. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Threoninbildung verringern.
12. Verfahren gemäß den Ansprüchen 6 bis 11, dadurch gekennzeichnet, daß man Mikroorganismen einsetzt, in denen man zusätzlich zum thrE-Gen die übrigen Gene des Stoffwechselweges der Threoninbildung, einzeln oder gemeinsam verstärkt (überexprimiert). 5
13. Verfahren zur Herstellung von L-Threonin, dadurch gekennzeichnet, daß man folgende Schritte durchführt:
- a) Fermentation von Mikroorganismen gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, in denen zumindest das thrE-Gen verstärkt (überexprimiert) wird, ggf. in Kombination mit weiteren Genen,
 - b) Anreicherung des L-Threonins im Medium oder in den Zellen der Mikroorganismen und
 - c) Isolieren des L-Threonins. 10
14. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium einsetzt.
15. Verfahren zur Isolierung des thrE-Gens, dadurch gekennzeichnet, daß man als Indikatorstämme im thrE-Gen defekte Mutanten, vorzugsweise coryneformer Bakterien gewinnt, die auf einem ein Threonin-haltiges Oligopeptid enthaltenden Nährmedium nicht oder nur gering wachsen und 15
- a) das thrE-Gen nach dem Anlegen einer Genbank identifiziert und isoliert oder
 - b) im Fall der Transposon-Mutagenese auf das bevorzugt eine Antibiotikaresistenz enthaltende Transposon selektiert und so das thrE-Gen erhält.

Hierzu 2 Seite(n) Zeichnungen

20

25

30

35

40

45

50

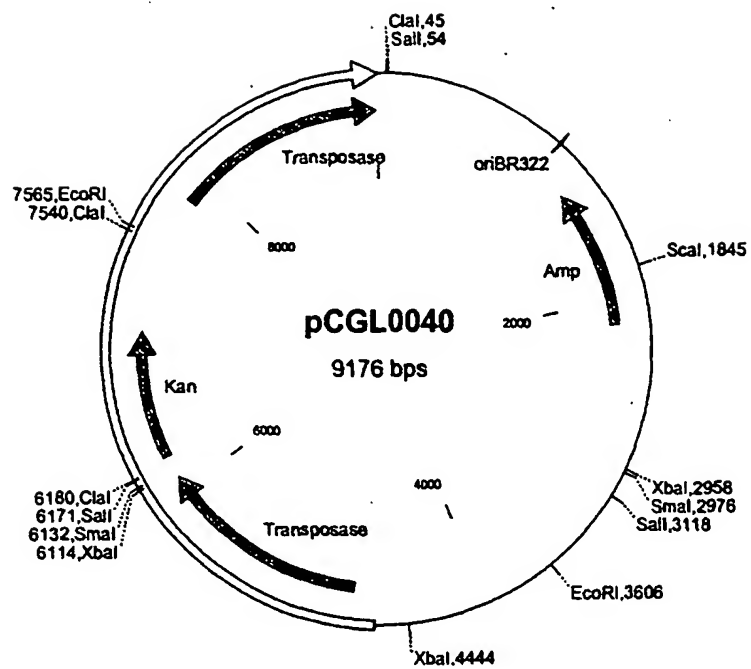
55

60

65

- Leerseite -

Figur 1:



Figur 2:

